第40卷 第8期
2023年8月
干 旱 区 研 究
ARID ZONE RESEARCH
Vol. 40 No. 8
Aug. 2023

鄯善库木塔格沙漠北缘细菌群落结构特征及影响因素

李 娟[1]，刘 阳[2,3]，刘光琇[2,3]，程 亮[1]，郭青云[1]，张 威[2,3]，章高森[2,3]

（1. 青海大学农林科学院植物保护研究所，青海 西宁 810016；2. 中国科学院西北生态环境资源研究院，甘肃 兰州 730000；3. 甘肃省极端环境微生物资源与工程重点实验室，甘肃 兰州 730000）

摘 要：鄯善库木塔格沙漠是一个与城市相连的沙漠，蕴含着丰富独特的微生物菌株资源。为了探究鄯善库木塔格沙漠的微生物群落结构以及其与环境因子之间的关系，采集了鄯善库木塔格沙漠北缘4个样点的表层（0~5 cm）和深层（45~50 cm）的沙土样本，并测定了其含水量（WC）、pH、总碳（TC）、总氮（TN）、总有机碳（TOC）和电导率（EC）；利用高通量测序技术，研究不同采样点、不同深度沙土样本的细菌群落结构；运用Spearman相关性分析环境因子和细菌群落结构之间的相关性，探讨影响细菌群落结构的主要因素。结果表明：鄯善库木塔格沙漠北缘沙土样本呈碱性；门水平上的优势菌是放线菌（Actinobacteria）、厚壁菌（Firmicutes）和变形菌（Proteobacteria），属水平上的优势菌是unclassified_f__Micrococcaceae、*Bacillus*、*Sphingomonas*、*Escherichia-Shigella*。PCoA分析表明，鄯善库木塔格沙漠北缘不同样点之间的细菌群落结构存在显著差异（$P<0.05$）；表层和深层样本的物种多样性没有显著差异。RDA分析表明，WC、TC、TN和pH显著影响表层样本的细菌群落结构（$P<0.05$），TOC含量显著影响深层样本的细菌群落结构（$P<0.05$）。本研究为后期鄯善库木塔格沙漠及相似生境中微生物资源的发掘提供了理论依据。

关键词：鄯善库木塔格沙漠；高通量测序；细菌群落结构；环境因子；理化性质

由于沙漠高辐射、昼夜温差大、寡营养等特点，使得沙漠中能生存的动植物极少，因此微生物成为了沙漠中的重要组成部分[1]。鄯善库木塔格沙漠位于新疆东部，鄯善县以南（91°25′~94°00′E，38°20′~40°50′N），面积约为24243 km^2，由于距离鄯善县城仅有2 km，被称为“城中沙漠”[2]，具有“绿不退，沙不进”的特殊地理环境，其特殊的生境蕴含着独特的微生物群落。目前，对于鄯善库木塔格沙漠微生物方面的研究很少，少见的报道是关于从该沙漠中分离到的放线菌菌株产淀粉酶的研究[3]。

传统的微生物培养技术由于培养基成分、接种量、培养温度、培养时间等的限制，可培养出的微生物总量不足10%，极大的限制了人们对整个微生物群落结构的了解[4]。高通量测序由于准确性高、数据量大、价格成本低等特点，在当今科研领域被广泛使用[5]。基于高通量测序技术的研究表明，沙漠中的细菌优势菌门主要是放线菌门、厚壁菌门、变形菌门、拟杆菌门、酸杆菌门、蓝藻菌门和绿弯菌门[6-9]，然而，目前对于鄯善库木塔格沙漠微生物群落结构的研究鲜见报道。

土壤特性和环境因子对土壤微生物群落的结构有很大影响[10]。沙漠生态系统极端寡营养的特性使得沙子土壤的理化性质对沙漠微生物群落的结构影响较大，有研究表明，盐分是影响古尔班通古特沙漠微生物群落结构的决定因素[9]，而总磷、SO_4^{2-}和HCO_3^-含量对塔克拉玛干沙漠东缘的细菌群落结构具有显著的影响[11]。研究环境因子对沙漠微生物群落结构的驱动，对了解沙漠生态系统的脆弱性至关重要。

本研究利用16S rRNA基因高通量测序技术，通过对鄯善库木塔格沙漠北缘沙土样本进行细菌群落结构以及环境因子对细菌群落结构的影响进行

收稿日期：2023-01-18；**修订日期：**2023-04-13
基金项目：第三次新疆综合科学考察项目(2022xjkk1200)；中国科学院“西部之光”计划(xbzg-zdsys-202105)；青海省重点实验室项目(2022-ZJ-Y10)
作者简介：李娟(1990-)，女，博士，主要研究方向为微生物生态学. E-mail: 18293130625@163.com
通讯作者：章高森. E-mail: gaosenzhang@hotmail.com

研究，以期为后期鄯善库木塔格沙漠的微生物研究提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　样品采集

样点选取于鄯善库木塔格沙漠北缘无人为干扰和无植被的区域（图1），样本采集于2018年9月，共4个采样点（K1、K2、K3、K4），每个采样点分别采集表层（S：0~5 cm）和深层（D：45~50 cm）两个深度。表层样本佩戴无菌手套直接采集，深层样本先使用铁锹挖取并用卷尺测量45~50 cm深度后，佩戴无菌手套采集样本。每个采样点按照五点法分别采集3个平行样本，3个平行样本间距约50 cm，每个样本采集约100 g，共采集24份样本。采集的样本装于无菌密封采样袋中，低温运输于实验室，于−20 ℃进行保存。

1.2　样品理化性质的测定

样品含水量（WC）通过烘干法进行测定[12]。pH样品按照去离子水为1:2.5（W/V）混匀静置30 min后用pH计进行测定[13]。电导率（EC）样品按照去离子水为1:5（W/V）混匀静置30 min后用电导仪（DDSJ-308A，上海雷磁）进行测定[13]。样品的总碳（TC）、总有机碳（TOC）和总氮（TN）使用元素分析仪（Elementar Vario-EL，德国）进行测定[14]。

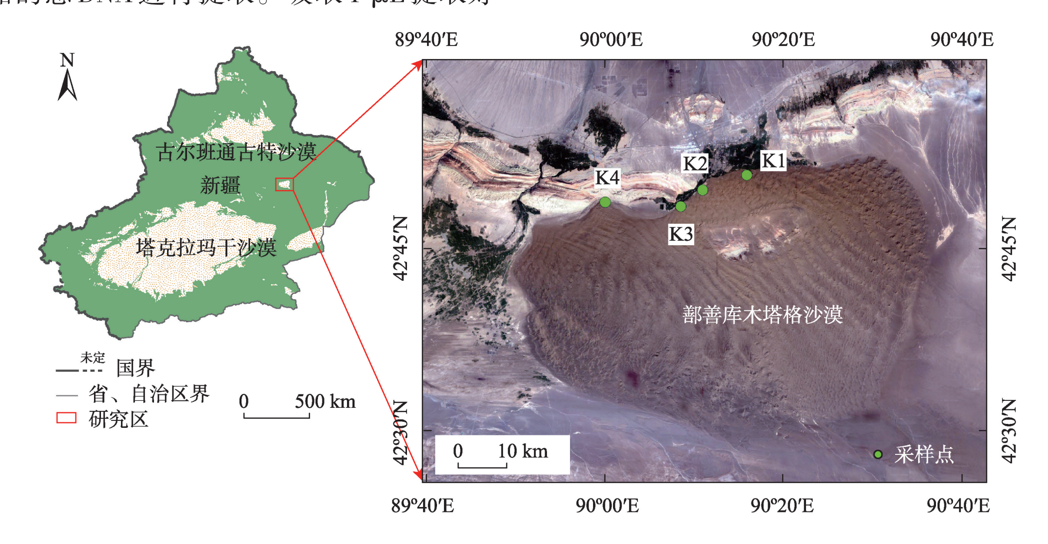
1.3　样品总DNA的提取和16S rRNA基因扩增

称取0.5 g样品，使用土壤试剂盒（Qiagen，德国）对样品的总DNA进行提取。吸取1 μL提取好的样本DNA，使用DNA浓度测定仪（NanoDrop 2000）测定其浓度。选取16S rRNA基因的V3~V4区进行扩增，所用的特异性引物是338F−806R[8]。PCR扩增条件为：94 ℃预变性5 min；95 ℃变性30 s；55 ℃退火30 s；72 ℃延伸45 s；72 ℃后延伸10 min，共30个循环。将PCR扩增产物浓度大于0.5 ng·μL^{-1}的样本进行扩增子测序。

1.4　扩增子测序及数据分析

样本的16S rRNA V3~V4区扩增产物在Illumina Miseq PE300平台上进行测定。通过QIIME软件包对原始数据进行质量过滤[15]；使用软件fastp和FLASH对序列数据进行去杂；去杂后的序列以97%的相似度聚类为操作分类单元（OTUs）；使用Uparse软件对OTU进行聚类，运用了USEARCH11−uparse算法；采用RDP classifier软件对97%相似水平的OTU代表序列进行分类学比对；物种由SILVA138细菌数据库进行注释。

采用SPSS软件（version 23.0）对沙子土壤样本的环境因子和Alpha多样性指数进行统计分析，使用单因素方差分析进行差异显著性检验。利用Mothur计算不同随机抽样下的Alpha多样性指数，再使用软件Origin 2021绘制稀释曲线图。运用R语言（版本3.3.1）的vegan包进行冗余分析（RDA），用来反映不同样点的环境因子与细菌群落之间的相关性。使用R语言（版本3.3.1）的heatmap包绘制heatmap图。利用Spearman相关系数显示不同样点的环境因子与不同门之间的相关性。基于Bray-



注：底图采用自然资源部标准地图制作，审图号为GS(2020)4634号，对底图边界无修改。

图1　鄯善库木塔格沙漠北缘采样点示意图

Fig. 1　Sampling map of the northern margin of Shanshan Kumtag Desert

Curtis距离的主坐标分析(PCoA)用来分析不同样点间的细菌群落相似性和差异性。LEfSe软件用来分析所有表层和深层样点之间的差异物种,LDA阈值设置为2。

2 结果与分析

2.1 样本的理化性质

沙子土壤样本环境因子分析表明,各样点之间的理化性质差异较大,总体来说沙土样本呈碱性(表1)。表层不同样本的pH、EC、TC、TOC和WC均呈显著差异(P<0.05),只有TN不显著;深层不同样本除了EC不显著,pH、TC、TN、TOC和WC均呈显著差异。

2.2 细菌群落组成

对鄯善库木塔格沙漠北缘24个沙土样本测序后进行分析,双端测序共获得2585300个序列,获得的总碱基数目为1556350600。双端序列拼接质控优化后的序列是1292650条,优化后的碱基数目是563481141。OTU在97%相似度水平下聚类后得到2450个OTU,在SILVA138数据库中注释后共得到48个门,125个纲,287个目,466个科,867个属,1378个种。

鄯善库木塔格沙漠北缘不同样点的微生物群落组成存在一定差异,将平均相对丰度小于1%的类群归为其他(others)。按照相对丰度的高低依次排序,在门水平相对丰度大于1%的菌门是放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、Deinococcota、Patescibacteria(图2)。整体来说,无论是表层样本还是深层样本,优势菌门(相对丰度>10%)是一样的,都是放线菌门、变形菌门和厚壁菌门。K2和K3样点的放线菌门相对丰度(47.3%~61.1%)

表1 不同样点样本的理化性质

Tab. 1 Physical and chemical properties of samples at different points

样本名称	WC	pH	EC/(mS·cm^{-1})	TN/%	TC/%	TOC/%
K1_1_S	0.64	9.46	150	0.040	0.670	0.281
K1_2_S	1.30	9.49	143	0.035	0.745	0.321
K1_3_S	1.55	9.67	171	0.044	0.732	0.300
K2_1_S	0.52	8.66	334	0.040	0.485	0.197
K2_2_S	0.53	8.8	350	0.037	0.409	0.196
K2_3_S	0.42	8.98	236	0.029	0.494	0.182
K3_1_S	0.72	9.14	594	0.033	0.383	0.238
K3_2_S	0.53	9.21	523	0.029	0.438	0.160
K3_3_S	0.49	9.22	616	0.030	0.336	0.178
K4_1_S	0.47	9.42	258	0.026	0.513	0.185
K4_2_S	0.37	9.3	282	0.032	0.613	0.236
K4_3_S	0.30	9.32	408	0.043	0.508	0.189
K1_1_D	0.28	8.89	663	0.034	0.616	0.235
K1_2_D	0.35	8.83	633	0.037	0.516	0.231
K1_3_D	0.26	8.97	278	0.035	0.688	0.247
K2_1_D	0.26	9.17	345	0.021	0.430	0.161
K2_2_D	0.35	9.06	332	0.027	0.456	0.214
K2_3_D	0.28	9.05	358	0.021	0.353	0.152
K3_1_D	0.34	9.29	406	0.029	0.527	0.139
K3_2_D	0.45	9.29	424	0.028	0.385	0.128
K3_3_D	0.56	9.35	287	0.042	0.408	0.176
K4_1_D	0.25	8.76	334	0.034	0.571	0.215
K4_2_D	0.35	8.81	282	0.026	0.498	0.220
K4_3_D	0.37	8.64	466	0.037	0.510	0.211

注:EC为电导率;TN为总氮;TC为总碳;TOC为总有机碳;WC为含水量。

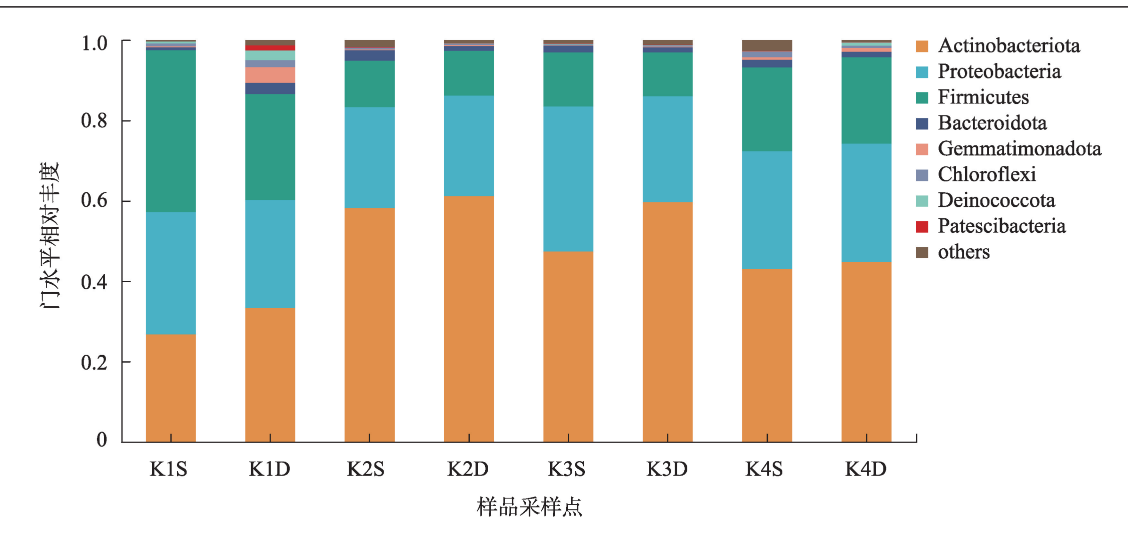


图2　门水平上沙子样本细菌群落结构

Fig. 2　Bacterial community structure of sand samples at phylum level

明显高于K1和K4样点(26.8%~44.9%),而K2和K3样点的厚壁菌门的相对丰度(10.9%~13.4%)明显低于K1和K4样点(20.9%~40.3%)。变形菌门在各样点的相对丰度相差不明显。尽管各样点的优势菌门相同,但是在同一个样点中,表层和深层的物种相对丰度是有差异的。比如在K1样点深层样本中拟杆菌门、芽单胞菌门和Deinococcota的相对丰度分别是2.8%、3.9%和2.4%,而在K1样点表层中的相对丰度分别是0.7%、0.2%和0.4%。绿弯菌门在K4样点表层中的相对丰度为1.3%,而在K4样点深层样本中相对丰度是0.5%。

在属水平,相对丰度(>1%)依次从高到低分别为:unclassified_f__Micrococcaceae、*Bacillus*、*Sphingomonas*、*Escherichia-Shigella*、*Microbacterium*、*Brevundimonas*、*Pseudomonas*、*Citrobacter*、*Acinetobacter*、*Sphingobium*、*Stenotrophomonas*、norank_f__norank_o__Frankialesnorank、norank_f__Longimicrobiaceae、*Enterococcus*、*Deinococcus*、*Romboutsia* 和 *Flavisolibacter*(图3)。其中最优势的属为unclassified_f__Micrococcaceae(21.5%~53.9%)、*Bacillus*(4.1%~38.5%)、*Sphingomonas*(5.5%~21.3%)和*Escherichia-Shigella*(17.4%)。不同样点的优势属相对丰度存在差异。unclassified_f__Micrococcaceae的相对丰度表现为:K2>K3>K4>K1;*Bacillus* 和 *Escherichia-Shigella* 的相对丰度表现为:K1>K4>K3>K2;*Sphingomonas* 的相对丰度表现为:K3>K2>K4>K1。norank_f__norank_o__Frankialesnorank、norank_f__Longimicrobiaceae、*Deinococcus* 和 *Flavisolibacter* 在K1样点深层样本中的相对丰度(5.3%)明显高于其余样点;*Romboutsia* 在K2样点表层样本中的相对丰度最高。同

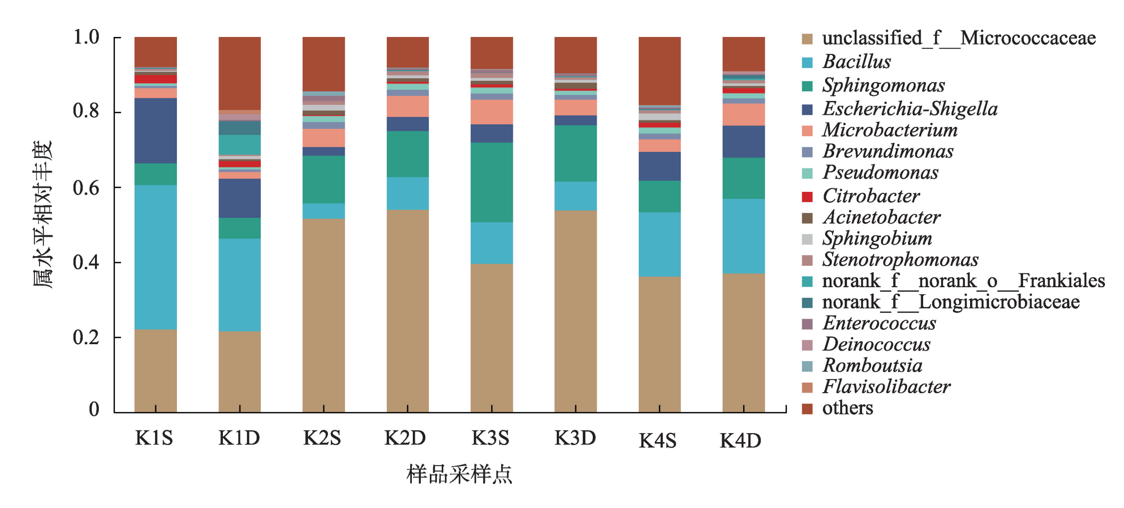


图3　属水平上沙子样本细菌群落结构

Fig. 3　Bacterial community structure of sand samples at genus level

一样点中，表层和深层在属水平上物种的相对丰度也存在明显差异。*Bacillus* 在K1样点表层样本的相对丰度（38.5%）明显高于K1样点深层样本（24.8%）；*Microbacterium* 在K4样点深层样本的相对丰度（5.9%）明显高于K4样点表层样本（3.3%）。

2.3 表层和深层样本物种差异分析

LEfSe结果表明，在门水平上Campilobacterota和NB1-j在表层样本中显著富集（$P < 0.05$），Sumerleota在深层样本中显著富集（$P < 0.05$）。属水平上表层显著富集的物种有17个（图4），分别是*Collinsella*、*Helicobacter*、norank_f_norank_o_WCHB1-41、norank_f_norank_o_Actinomarinales、norank_f_norank_o_Clostridia_vadinBB60_group、Prevotellaceae_UCG-001、*Psychrobacter*、norank_f_Bacteroidales_RF16_group、*Streptomonospora*、Family_xlll_AD3011_group、*Chelativorans*、*Parabacteroides*、Prevotellaceae_NK3B31_group、*Aerococcus*、*Fusobacterium*、unclassified_f_Oscillospiraceae和*Pseudochrobactrum*（$P < 0.05$），深层显著富集的物种有14个，分别是norank_f_norank_o_Frankiales、norank_f_Longimicrobiaceae、norank_f_LWQ8、unclassified_f_Oxalobacteraceae、*Rubellimicrobium*、*Geodermatophilus*、*Noviherbaspirillum*、norank_f_norank_o_Saccharimonadales、unclassified_f_Nocardioidaceae、*Oxalicibacterium*、*Ramlibacter*、*Ammoniphilus*、norank_f_Symbiobacteraceae和*Dietzia*（$P < 0.05$）。

2.4 细菌Alpha多样性和Beta多样性

鄯善库木塔格沙漠北缘细菌Alpha多样性指数统计结果（表2）显示，样品的覆盖度均达到99.9%以上，证明测序的数据可靠有效。整体来看，表层和深层之间的样本香农指数、辛普森指数、Chao 1指数、ACE指数和系统发育树多样性指数没有显著差异，表明表层和深层样本的多样性没有明显差异。不同样点之间的Chao 1指数和ACE指数存在显著差异（$P < 0.05$），而香农指数、辛普森指数和系统发育树多样性指数没有显著差异，表明不同样点之间细菌群落的丰富度明显不同，而多样性没有显著差

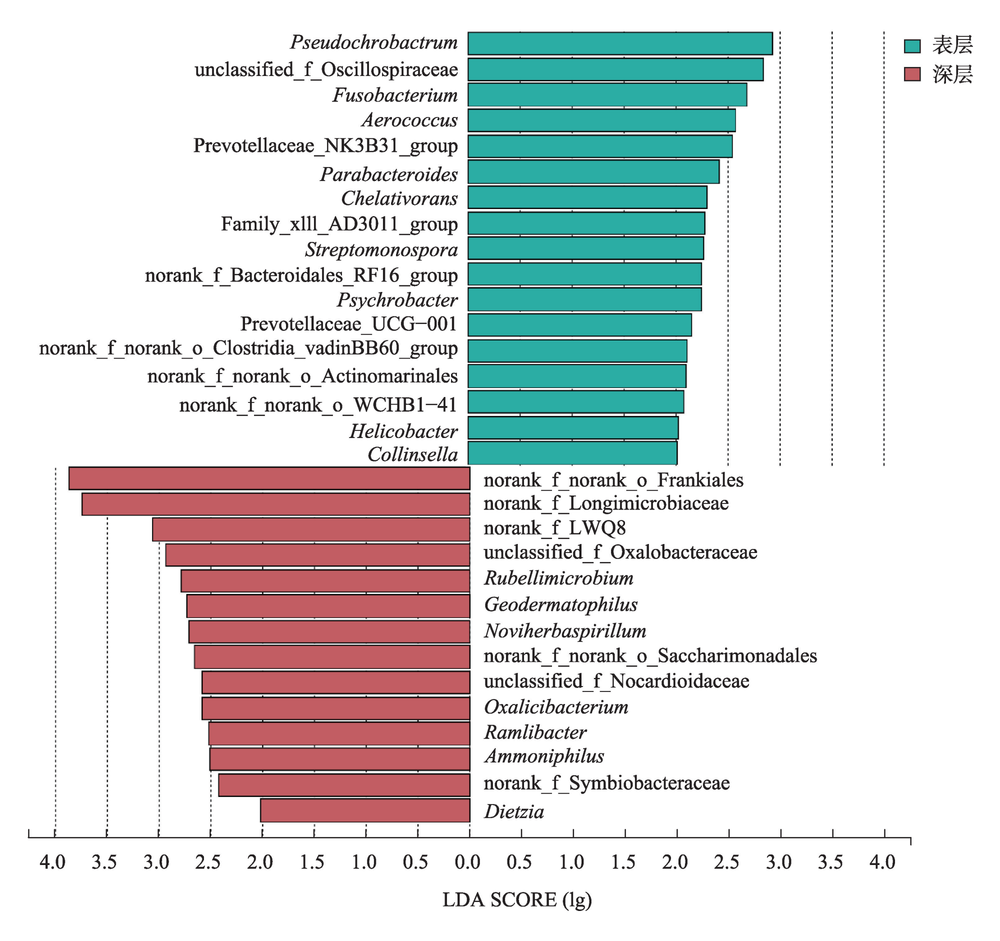


图4 属水平上表层和深层样本的物种差异分析

Fig. 4 Species difference analysis in surface and deep samples at genus level

表2　不同样本的Alpha多样性指数

Tab. 2　Alpha diversity index at different samples

样本名称	香农指数	辛普森指数	ACE指数	Chao 1指数	覆盖度/%	系统发育树多样性指数
K1_1_S	2.390	0.215	254.967	262.154	1.000	31.200
K1_2_S	2.766	0.143	336.400	338.813	0.999	43.398
K1_3_S	1.974	0.215	315.097	318.561	0.999	32.058
K2_1_S	2.277	0.317	284.391	284.000	1.000	32.017
K2_2_S	1.862	0.386	220.833	222.688	1.000	28.580
K2_3_S	3.583	0.156	616.427	633.067	0.999	79.401
K3_1_S	2.622	0.170	245.595	249.200	1.000	31.607
K3_2_S	2.468	0.233	409.968	413.000	1.000	53.739
K3_3_S	2.114	0.247	182.997	184.500	1.000	22.578
K4_1_S	3.922	0.138	776.334	780.650	0.999	81.842
K4_2_S	2.277	0.302	418.711	435.719	0.999	45.497
K4_3_S	3.251	0.105	657.699	662.017	0.999	73.443
K1_1_D	2.856	0.258	504.457	508.081	0.999	51.449
K1_2_D	3.986	0.068	638.214	643.000	0.999	57.332
K1_3_D	2.827	0.155	579.787	599.192	0.998	48.243
K2_1_D	1.843	0.425	230.223	230.273	1.000	31.763
K2_2_D	2.760	0.147	291.824	304.214	0.999	32.989
K2_3_D	1.989	0.342	187.780	187.000	1.000	31.652
K3_1_D	2.350	0.345	389.315	407.083	1.000	59.362
K3_2_D	1.921	0.331	229.616	231.929	1.000	30.269
K3_3_D	2.260	0.278	306.728	308.120	0.999	37.188
K4_1_D	3.134	0.112	468.690	468.333	0.999	63.828
K4_2_D	2.626	0.163	335.807	338.043	1.000	36.498
K4_3_D	2.114	0.296	227.945	226.688	1.000	26.739

异。表层样点K4的丰富度最高,深层样点K1的丰富度最高。

利用PCoA方法,分析鄯善库木塔格沙漠北缘不同样点之间细菌群落的相似性和差异性(图5),PC1轴解释了54.89%的差异性,PC2轴解释了13.4%的差异性,整体上不同样点的细菌群落组成存在显著差异($P<0.05$)。K1和K4样点与K2和K3样点相比较,分布在PC1轴的样点离散程度高,说明K1和K4样点的组内样本差异较大。

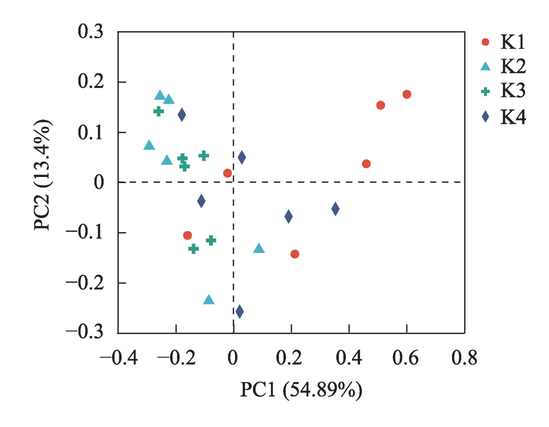


图5　不同样点的Beta多样性分析

Fig. 5　Beta diversity analysis at different points

2.5　环境因子对细菌群落结构的影响

为了分析环境因子对鄯善库木塔格沙漠北缘细菌群落结构的影响,本研究基于RDA分析,在OTU水平下分析了环境因子与鄯善库木塔格沙漠北缘细菌群落之间的相关性(图6)。结果表明,采样深度对环境因子与细菌群落结构的影响不同。表层样本中(图6a),第一轴解释了64.56%,第二轴解释了9.41%,WC、TC、TN和pH均显著影响鄯善库木塔格沙漠北缘表层细菌群落结构($P<0.05$)。深层样本中(图6b),第一轴解释了62.51%,第二轴解释了4.79%,其中只有TOC显著影响深层样本的细菌群落结构($P<0.05$)。

为了进一步分析环境因子对不同物种的影响,本研究选择了相对丰度前10的细菌门绘制了heat-

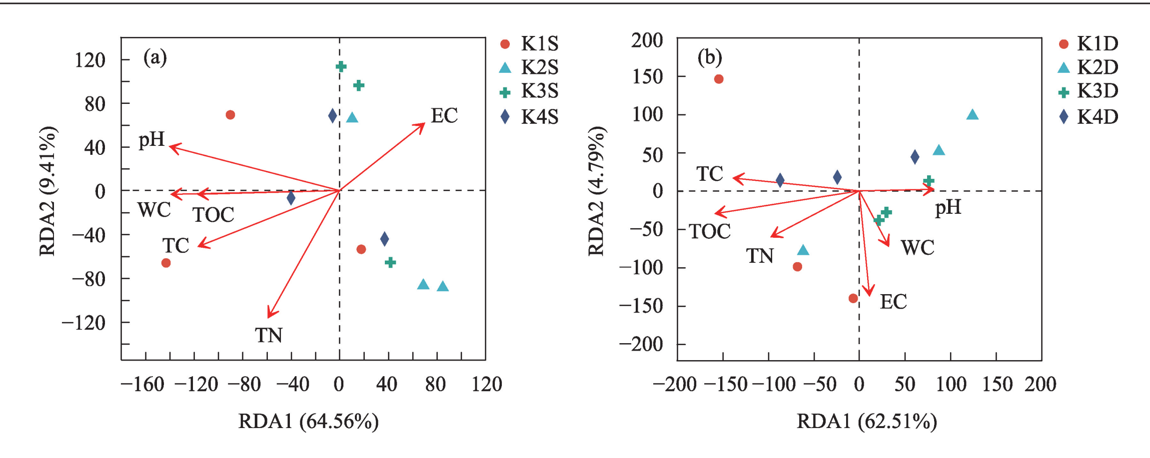


图6　表层(a)和深层(b)样本的细菌群落与环境因子之间的相关性分析

Fig. 6　Correlation analysis between bacterial communities and environmental factors in surface (a) and deep (b) samples

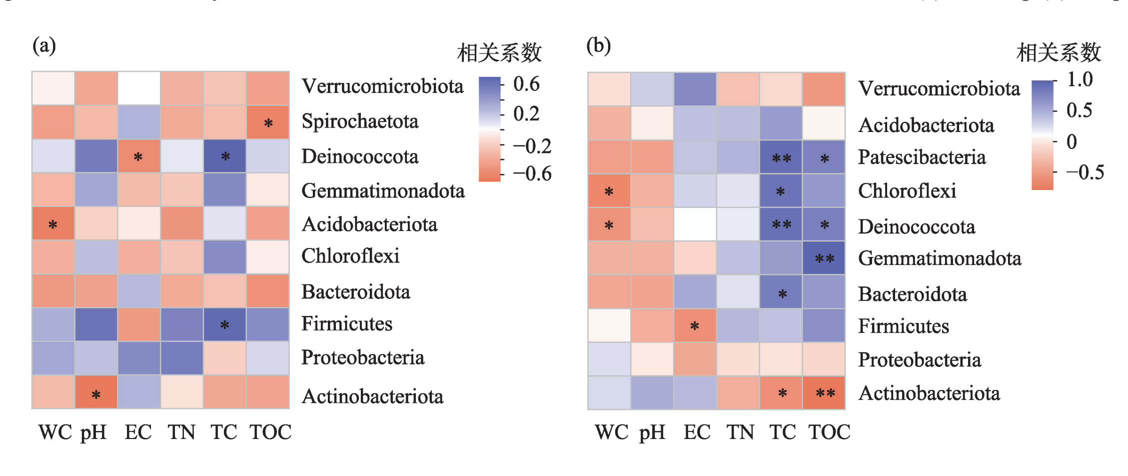


图7　表层(a)和深层(b)样本在门水平上的不同物种与环境因子之间的相关性分析

Fig. 7　Correlation analysis between different species and environmental factors in surface (a) and deep (b) samples at phylum level

map图，用来评估物种与环境变量之间的相关性(图7)。结果表明：表层样本，EC与Deinococcota显著负相关($P<0.05$)；TC与Deinococcota和Firmicutes显著正相关($P<0.05$)；TOC与Spirochaetota显著负相关($P<0.05$)。对于深层样本，WC与Deinococcota和Chloroflexi显著负相关($P<0.05$)；EC与Firmicutes显著负相关($P<0.05$)；TC与Bacteroidota、Deinococcota、Chloroflexi和Patescibacteria显著正相关，与Actinobacteriota显著负相关($P<0.05$)；TOC与Gemmatimonadota、Deinococcota和Patescibacteria显著正相关，与Actinobacteriota显著负相关($P<0.05$)。

3　讨 论

由于环境的异质性，驱动不同深度沙漠微生物菌群变化的因素也就不同。本研究结果表明，WC、TC、TN和pH均对表层样本的细菌群落结构有显著影响，而深层样本的细菌群落结构仅受TOC的影响。由于表层样本直接暴露于空气中，受外界极端环境的影响较大，而微生物生存离不开水分、碳源和氮源，因此，WC、TC和TN显著影响表层微生物菌群的结构。微生物利用的碳源主要是有机碳，因此有机碳的含量与微生物菌群的代谢活动密切相关。深层样本的采样深度是45~50 cm，与表层相比具有较稳定的内部环境，外界环境变化对其影响较小，因此，深层样本中微生物菌群的结构主要受有机碳的影响。鄯善库木塔格沙漠北缘不同样点、不同深度的样本pH均呈碱性，这与塔克拉玛干沙漠[16]和古尔班通古特沙漠[17]的研究结果相似。研究表明，pH是影响土壤细菌群落结构的重要指标[18]。此外，在同一样点不同深度样本的土壤理化因子也存在差异，如K1样点表层样本的WC含量最高，而K1样点深层样本的WC并不是最高；EC在K3样点的表层样本最高，而深层不同样点的EC含量差异不显著。

本研究结果表明,不同环境因子对表层和深层样本的优势菌门的影响不同,例如WC对表层样本的酸杆菌门影响显著,而对深层样本的酸杆菌门影响不显著;pH对表层样本放线菌门影响显著,而对深层样本放线菌门影响不显著;EC对深层样本厚壁菌门影响显著,而对表层样本厚壁菌门影响不显著。这说明表层和深层样本对菌群结构具有自己独特的驱动模式。Bahadur等[19]揭示了柴达木沙漠中变形菌门与TOC显著相关,Zhang等[20]对腾格里沙漠的研究具有相同结果,然而本研究结果表明无论是表层样本还是深层样本,变形菌门与TOC相关性不显著。

Beta多样性分析表明,鄯善库木塔格沙漠北缘不同样点的细菌群落结构存在显著差异($P<0.05$),这可能是造成不同样点细菌群落丰富度差异的原因。另外,鄯善库木塔格沙漠北缘表层和深层样本的细菌群落多样性和丰富度都没有显著差异,这可能是由于采样深度不够的原因。不同生境沙漠定殖的微生物优势菌门存在差异,研究表明沙漠表皮存在生物结皮的优势菌门主要是蓝藻门,比如古尔班通古特沙漠[17]、腾格里沙漠[21]和莫哈维沙漠[22]。鄯善库木塔格沙漠北缘无论是表层样本还是深层样本,优势菌门都是放线菌门、变形菌门和厚壁菌门,其中各样点的相对丰度最高的门是放线菌门,这与塔克拉玛干沙漠[11]的优势菌门一致。放线菌门能产生内生孢子用来抵御极端环境的胁迫,此外,分泌的胞外水解酶能水解动物和植物的残骸和土壤中一些复杂的有机化合物[23-25],这可能是鄯善库木塔格沙漠和塔克拉玛干沙漠等这类流动沙漠中优势菌门是放线菌门的原因。

LEfSe分析表明,在门水平上Campilobacterota(如*Collinsella*)和NB1-j在表层样本中显著富集($P<0.05$),Sumerlaeota在深层样本中显著富集。Campilobacterota是动物肠道的优势菌门,并且发现高温环境会使Campilobacterota的菌群增加[26]。另外,*Collinsella*被发现存活于人类肠道中[27]。因此,推测以*Collinsella*为代表的Campilobacterota在表层样本中出现富集的原因可能是由于采样点位于鄯善库木塔格沙漠北缘,靠近人类居住地,在风的搬运下动物或人的粪便被传播于沙漠的表层,从而采样时被检测出来。Sumerlaeota第一次被报道是在被水淹的缺氧水稻土壤中[28]。另外,Sumerlaeota在海洋和淡水沉积物[29-30]、温泉[31]、沙漠[32]、活性污泥[33]和人工湿地[34]等各种极端环境中也被发现。研究表明,Sumerlaeota能够降解难降解的有机物作为碳源,还具有硝酸盐和硫酸盐的异化还原、固氮、增磷和有机磷矿化的能力,使其在各种恶劣条件下都能茁壮成长,此外研究还揭示了Sumerlaeota的成员是从兼性厌氧的共同祖先进化而来的[35]。以上研究表明,Sumerlaeota能够在缺氧或者氧气稀少的环境中生存。另外,鄯善库木塔格沙漠北缘深层样本中发现*Noviherbaspirillum*富集显著,推测*Noviherbaspirillum*能够在缺氧或厌氧环境中生存。造成鄯善库木塔格沙漠北缘表层和深层样本的细菌群落富集种类在门水平上存在差异,原因一方面可能是不同深度的含氧量不同,另一方面可能是不同深度土壤提供给微生物的营养物不同。已有研究表明,阿卡塔玛沙漠不同深度的沙子蕴含着独特的微生物菌门,这表明不同深度的土壤中蕴含的微生物具有特定的偏好性[36]。

4 结 论

(1) 鄯善库木塔格沙漠北缘沙土样本呈碱性。表层的不同样本pH、EC、TC、TOC和WC均呈显著差异;深层不同样本的pH、TC、TN、TOC和WC均呈显著差异。

(2) 鄯善库木塔格沙漠北缘优势菌门是放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes);优势属是unclassified_f__Micrococcaceae、*Bacillus*、*Sphingomonas*和*Escherichia-Shigella*。

(3) 鄯善库木塔格沙漠北缘不同样点之间细菌群落存在显著差异;表层和深层样本之间的细菌多样性差异不显著。

(4) 属水平上表层样本有17个显著富集的物种,深层样本有14个显著富集的物种。

(5) WC、TC、TN和pH均显著影响鄯善库木塔格沙漠北缘表层细菌群落结构,TOC显著影响深层样本的细菌群落结构。

参考文献(References):

[1] Makhalanyane T P, Valverde A, Gunnigle E, et al. Microbial ecology of hot desert edaphic systems[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2015, 39(2): 203-221.

[2] 吴晋峰, 王鑫, 郭峰, 等. 库姆塔格沙漠风沙地貌遗产美学价值

评价[J]. 中国沙漠, 2012, 32(5): 1451−1456. [Wu Jinfeng, Wang Xin, Guo Feng, et al. Aesthetic value of aeolian geomorphosites in the Kumtagh Desert, China[J]. Journal of Desert Research, 2012, 32(5): 1451−1456.]

[3] 阿不都克里木·热依木, 古丽米热·热孜. 新疆鄯善产淀粉酶沙漠放线菌的生长特性研究[J]. 新疆师范大学学报(自然科学版), 2007, 26(2): 77−79. [Abdukerim Reyimu, Gulmira Rezi. The study of the growth characteristic of amylase productive desert Actinomycetes in Shanshan Xinjiang[J]. Journal of Xinjiang Normal University (Natural Science Edition), 2007, 26(2): 77−79.]

[4] Davis K E R, Joseph S J, Janssen P H. Effects of growth medium, inoculum size, and incubation time on culturability and isolation of soil bacteria[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71(2): 826−834.

[5] Ravi R K, Walton K, Khosroheidari M. MiSeq: A next generation sequencing platform for genomic analysis[C]//DiStefano J K. Disease Gene Identification. New York: Humana Press, 2018.

[6] An S, Couteau C Fau-Luo F, Luo F Fau-Neveu J, et al. Bacterial diversity of surface sand samples from the Gobi and Taklamaken Deserts[J]. Microbial Ecology, 2013, 66(4): 850−860.

[7] Crits-Christoph A, Robinson C K, Barnum T, et al. Colonization patterns of soil microbial communities in the Atacama Desert[J]. Microbiome, 2013, 1: 28.

[8] Sun Y, Shi Y L, Wang H, et al. Diversity of bacteria and the characteristics of actinobacteria community structure in Badain Jaran Desert and Tengger Desert of China[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 1068.

[9] Zhang K, Shi Y, Cui X, et al. Salinity is a key determinant for soil microbial communities in a desert ecosystem[J]. mSystems, 2019, 4(1): e00225−00218.

[10] Zhou J, Xia B, Treves D S, et al. Spatial and resource factors influencing high microbial diversity in soil[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2002, 68(1): 326−334.

[11] 张哲瑄, 夏占峰, 张利莉. 基于Illumina MiSeq 测序技术的塔克拉玛干沙漠东缘细菌多样性分析[J]. 微生物学通报, 2021, 48(9): 2941−2955. [Zhang Zhexuan, Xia Zhanfeng, Zhang Lili. Diversity of soil bacterial communities in the eastern margin of the Taklimakan Desert based on Illumina MiSeq sequencing technology[J]. Journal of Microbiology, 2021, 48(9): 2941−2955.]

[12] Zhao K, Yang D, Zeng P, et al. Effect of water content on the failure pattern and acoustic emission characteristics of red sandstone[J]. International Journal of Rock Mechanics and Mining Sciences, 2021, 142: 104709.

[13] Li S, Lei X, Qin L, et al. Fe(III) reduction due to low pe+pH contributes to reducing Cd transfer within a soil-rice system[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 415: 125668.

[14] Liebner S, Rublack K, Stuehrmann T, et al. Diversity of aerobic methanotrophic bacteria in a permafrost active layer soil of the Lena Delta, Siberia[J]. Microbial Ecology, 2009, 57: 25−35.

[15] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, et al. QIIME allows analysis of high- throughput community sequencing data[J]. Nature Methods, 2010, 7(5): 335−336.

[16] Liu Y, Chen T, Li J, et al. High proportions of radiation-resistant strains in the culturable bacteria from Taklimakan Desert[J]. Biology, 2022, 11(4): 501.

[17] 刘乐汉, 吕杰, 马媛, 等. 古尔班通古特沙漠藻类结皮中微生物群落空间分异特征[J]. 生态学报, 2023, 43(4): 1−13. [Liu Yuehan, Lü Jie, Ma Yuan, et al. Spatial differentiation of microbial communities in Gurbantunggut Desert algae crust, Xinjiang, China[J]. Ecological Sinica, 2023, 43(4): 1−13.]

[18] Lauber C L, Hamady M, Knight R, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(15): 5111−5120.

[19] Bahadur A, Zhang W, Sajjad W, et al. Bacterial diversity patterns of desert dunes in the northeastern Qinghai-Tibet Plateau, China[J]. Archives of Microbiology, 2021, 203: 2809−2823.

[20] Zhang W, Bahadur A, Zhang G S, et al. Diverse bacterial communities from Qaidam Basin of the Qinghai-Tibet Plateau: Insights into variations in bacterial diversity across different regions[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11: 554105.

[21] 李靖宇, 张琇. 腾格里沙漠不同生物土壤结皮微生物多样性分析[J]. 生态科学, 2017, 36(3): 36−42. [Li Jinyu, Zhang Xiu. Microbial diversity analysis of different biological soil crusts in Tengger Desert[J]. Ecological Science, 2017, 36(3): 36−42.]

[22] Mogul R, Vaishampayan P, Bashir M, et al. Microbial community and biochemical dynamics of biological soil crusts across a gradient of surface coverage in the central Mojave Desert[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 1974−1974.

[23] Miao V, Davies J. Actinobacteria: The good, the bad, and the ugly[J]. Antonie van Leeuwenhoek, 2010, 98(2): 143−150.

[24] Eisenlord S D, Zak D R. Simulated atmospheric nitrogen deposition alters actinobacterial community composition in forest soils[J]. Soil Science Society of America Journal, 2010, 74(4): 1157−1166.

[25] El-Tarabily K A, Sivasithamparam K. Non-streptomycete actinomycetes as biocontrol agents of soil-borne fungal plant pathogens and as plant growth promoters[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(7): 1505−1520.

[26] 张凯军, 姜鹏飞, 王军, 等. 不同温度对中华绒螯蟹生长及肠道微生物菌群的影响[J]. 上海海洋大学学报, 2022, 31(2): 384−393. [Zhang Kaijun, Jiang Pengfei, Wang Jun, et al. Effects of different temperatures on growth and gut microbiota of Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*)[J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2022, 31(2): 384−393.]

[27] Benabdelkader S, Ibrahima L C, Naud S, et al. *Collinsella provencensis* sp. nov. a new species identified from healthy human gut microbiota[J]. New Microbes and New Infections, 2018, 23: 44−47.

[28] Derakshani M, Lukow T, Liesack W. Novel bacterial lineages at the (sub) division level as detected by signature nucleotide-targeted recovery of 16S rRNA genes from bulk soil and rice roots of flooded rice microcosms[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, 67: 623−631.

[29] Harris J K, Caporaso J G, Walker J J, et al. Phylogenetic stratigraphy in the Guerrero Negro hypersaline microbial mat[J]. ISME Journal, 2013, 7: 50−60.

[30] Watanabe T, Kojima H, Fukui M. Identity of major sulfur-cycle prokaryotes in freshwater lake ecosystems revealed by a comprehensive phylogenetic study of the dissimilatory adenylylsulfate reductase[J]. Scientific Report, 2016, 6: 36262.

[31] Lau M C Y, Aitchison J C, Pointing S B. Bacterial community composition in thermophilic microbial mats from five hot springs in central Tibet[J]. Extremophiles, 2009, 13: 139−149.

[32] Direito S O L, Ehrenfreund P, Marees A, et al. A wide variety of putative extremophiles and large beta-diversity at the Mars Desert research station (Utah) [J]. International Journal of Astrobiology, 2011, 10: 191−207.

[33] Rivière D, Desvignes V, Pelletier E, et al. Towards the definition of a core of microorganisms involved in anaerobic digestion of sludge[J]. ISME Journal, 2009, 3: 700−714.

[34] Bouali M, Zrafi I, Bakhrouf A, et al. Bacterial structure and spatio-temporal distribution in a horizontal subsurface flow constructed wetland[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, 98: 3191−3203.

[35] Fang Y, Yuan Y, Liu J, et al. Casting light on the adaptation mechanisms and evolutionary history of the widespread Sumerlaeota[J]. mBio, 2021, 12(2): e00350−21.

[36] Fuentes B, Choque A, Gómez F, et al. Influence of physical-chemical soil parameters on microbiota composition and diversity in a deep hyperarid core of the Atacama Desert[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 12: 794743.

Study on bacterial community structure and influencing factors in the northern margin of the Shanshan Kumtag Desert

LI Juan[1], LIU Yang[2,3], LIU Guangxiu[2,3], CHENG Liang[1], GUO Qingyun[1], ZHANG Wei[2,3], ZHANG Gaosen[2,3]

(1. Institute of Plant Protection, Qinghai Academy of Agriculture and Forestry Science, Qinghai University, Xining 810016, Qinghai, China; 2. Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou 730000, Gansu, China; 3. Key Laboratory of Extreme Environmental Microbial Resources and Engineering, Lanzhou 730000, Gansu, China)

Abstract: The Shanshan Kumtag Desert, which is connected to the city, contains rich and unique microbial resources. To explore the microbial community structure and its relationship with environmental factors in the Shanshan Kumtag Desert, surface (0−5 cm) and deep (45−50 cm) layer sand samples were collected from four points along the northern margin of the desert. Subsequently, the collected samples were analyzed to determine the water content (WC), pH, total carbon (TC), total nitrogen (TN), total organic carbon (TOC), and electrical conductivity. High-throughput sequencing technology was used to analyze the bacterial community structure of the sand samples, and Spearman correlation was used to analyze the correlation between environmental factors and the bacterial community structure. The results showed that the collected sand samples were alkaline, and the dominant bacterial phyla were Actinobacteria, Firmicutes, Proteobacteria, and Bacteroidetes. Among these, the dominant genera were unclassified_f__Micrococcaceae, *Bacillus, Sphingomonas, Escherichia- Shigella,* and *Microbacterium*. Significant differences in the bacterial community structure were observed among the different points along the northern margin of the Shanshan Kumtag Desert ($P < 0.05$). However, no significant difference in species diversity was observed between the surface and deep layer samples. Furthermore, WC, TC, TN, and pH significantly affected the bacterial community structure in the surface samples ($P < 0.05$), while TOC significantly affected the bacterial community structure in the deep samples ($P < 0.05$). This study provides a theoretical basis for exploring microbial resources in the Shanshan Kumtag Desert and similar habitats.

Keywords: Shanshan Kumtag Desert; high-throughput sequencing; bacterial community structure; environmental factors; physicochemical property